

Cont  
A'

Figure 3. The amino acid sequence (SEQ ID NO: 2) encoded by the open reading frame of the nucleic acid sequence set forth in Figure 2.

Figure 4A-B. Alignment of 125P5C8 (SEQ ID NO: 2) with AK025164 (SEQ ID NO: 4; Figure 4A) and the yeast protein YCR017 (SEQ ID NO: 5; Figure 4B) using the BLAST function (NCBI).

Please replace the paragraphs at page 75, line 10 through page 97, line 2 (Tables V-XIX), with the following paragraphs: .

A<sup>2</sup>

Table V: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A1 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	41	GLEGFSIAF (SEQ ID NO: 15 )	45.000
2	635	DSEIQMAKF (SEQ ID NO: 16)	27.000
3	490	YTDFGPSTR (SEQ ID NO: 17)	12.500
4	371	NLDLLLQTK (SEQ ID NO: 18)	10.000
5	583	TSAPGSRDY (SEQ ID NO: 19)	7.500
6	514	KSEHHLLPS (SEQ ID NO: 20)	6.750
7	231	GPDPNPFGG (SEQ ID NO: 21)	6.250
8	22	YHDLGPMIY (SEQ ID NO: 22)	6.250
9	602	DIDSTDHDR (SEQ ID NO: 23)	5.000
10	541	LVDFVVTHF (SEQ ID NO: 24)	5.000
11	213	FGEVSLVSR (SEQ ID NO: 25)	4.500
12	36	TLELTGLEG (SEQ ID NO: 26)	4.500
13	249	LMLPSCLWF (SEQ ID NO: 27)	2.500
14	269	TASAAGLLY (SEQ ID NO: 28)	2.500
15	132	VLVVLRIWY (SEQ ID NO: 29)	2.500
16	431	AIWPFRRGY (SEQ ID NO: 30)	2.500
17	24	DLGPMIYYF (SEQ ID NO: 31)	2.000
18	611	WCEYIMYRG (SEQ ID NO: 32)	1.800
19	466	ESDASKPYM (SEQ ID NO: 33)	1.500
20	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 34)	1.350
21	315	TMTIAMIFY (SEQ ID NO: 35)	1.250
22	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 36)	1.250
23	645	IPDDPTNYR (SEQ ID NO: 37)	1.250
24	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 38)	1.000
25	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 39)	1.000

*Cont  
A2*

26	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 40)	1.000
27	9	LLESLLGCV (SEQ ID NO: 41)	0.900
28	324	LLEIFFCAW (SEQ ID NO: 42)	0.900
29	551	NHEDDLDRK (SEQ ID NO: 43)	0.900
30	630	HAELSDSEI (SEQ ID NO: 44)	0.900
31	159	LSAIATLDR (SEQ ID NO: 45)	0.750
32	141	TSLNPIWSY (SEQ ID NO: 46)	0.750
33	348	RSDVLLGTM (SEQ ID NO: 47)	0.750
34	112	WSGSHLQRY (SEQ ID NO: 48)	0.750
35	633	LSDSEIQMA (SEQ ID NO: 49)	0.750
36	573	SNQVIFLGY (SEQ ID NO: 50)	0.625
37	358	LIIGLNMLF (SEQ ID NO: 51)	0.500
38	49	FLSPIFLTI (SEQ ID NO: 52)	0.500
39	429	SAAIWPFRF (SEQ ID NO: 53)	0.500
40	644	RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 54)	0.500
41	407	GLGLRHKAY (SEQ ID NO: 55)	0.500
42	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 56)	0.500
43	614	YIMYRGLIR (SEQ ID NO: 57)	0.500
44	76	ITIGSIASF (SEQ ID NO: 58)	0.500
45	199	GAAFGSLVF (SEQ ID NO: 59)	0.500
46	594	LTEHGNVKD (SEQ ID NO: 60)	0.450
47	524	EGEIAPAIT (SEQ ID NO: 61)	0.450
48	522	SPEGEIAPA (SEQ ID NO: 62)	0.450
49	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 63)	0.400
50	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 64)	0.400

Table VI: HLA Peptide Scoring Results- 125P5C8 – A1 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	633	LSDSEIQMAK (SEQ ID NO: 65)	75.000
2	605	STDHDRWCEY (SEQ ID NO: 66)	62.500
3	490	YTDFGPSTRY (SEQ ID NO: 67)	62.500
4	464	ILES DASKPY (SEQ ID NO: 68)	45.000
5	635	DSEIQMAKFR (SEQ ID NO: 69)	13.500
6	440	DNEGWSSLER (SEQ ID NO: 70)	11.250
7	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 71)	10.000
8	36	TLELTGLEGF (SEQ ID NO: 72)	9.000
9	22	YHDLGPMIYY (SEQ ID NO: 73)	6.250
10	268	GTASAAGLLY (SEQ ID NO: 74)	6.250
11	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 75)	6.250
12	572	SSNQVIFLGY (SEQ ID NO: 76)	3.750
13	171	DGDCSKPEEK (SEQ ID NO: 77)	2.500
14	430	AAIWPFRFGY (SEQ ID NO: 78)	2.500

Cont  
A2

15	131	IVLVVLRWY (SEQ ID NO: 79)	2.500
16	458	GADFITLES (SEQ ID NO: 80)	2.500
17	662	HREVSEKIH (SEQ ID NO: 81)	2.250
18	594	LTEHGNVKDI (SEQ ID NO: 82)	2.250
19	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 83)	1.800
20	324	LLEIFFCAWC (SEQ ID NO: 84)	1.800
21	466	ESDASKPYMG (SEQ ID NO: 85)	1.500
22	665	VSEKIHFNPR (SEQ ID NO: 86)	1.350
23	140	YTSLNPIWSY (SEQ ID NO: 87)	1.250
24	309	GTNPGKTMTI (SEQ ID NO: 88)	1.250
25	582	ITSAPGSRDY (SEQ ID NO: 89)	1.250
26	231	GPDPNPFGBA (SEQ ID NO: 90)	1.250
27	524	EGEIAPAITL (SEQ ID NO: 91)	1.125
28	182	TGEVATGMAS (SEQ ID NO: 92)	1.125
29	454	LNETGADFIT (SEQ ID NO: 93)	1.125
30	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 94)	1.000
31	505	MALSRYPVK (SEQ ID NO: 95)	1.000
32	561	QAIAVSKLLK (SEQ ID NO: 96)	1.000
33	462	ITILES DASK (SEQ ID NO: 97)	1.000
34	9	LLESLLGCVS (SEQ ID NO: 98)	0.900
35	630	HAELSDSEIQ (SEQ ID NO: 99)	0.900
36	611	WCEYIMYRGL (SEQ ID NO: 100)	0.900
37	428	VSAAIWPFRR (SEQ ID NO: 101)	0.750
38	348	RSDVLLGTMM (SEQ ID NO: 102)	0.750
39	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 103)	0.675
40	329	FCAWCTAFKF (SEQ ID NO: 104)	0.500
41	541	LVDFVVTHTG (SEQ ID NO: 105)	0.500
42	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 106)	0.500
43	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 107)	0.500
44	320	MIFYLLEIFF (SEQ ID NO: 108)	0.500
45	13	LLGCVSWSLY (SEQ ID NO: 109)	0.500
46	371	NLDLLQTKN (SEQ ID NO: 110)	0.500
47	56	TITPFWKLVN (SEQ ID NO: 111)	0.500
48	526	EIAPAITLTV (SEQ ID NO: 112)	0.500
49	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 113)	0.500
50	357	MLIIGLNMLF (SEQ ID NO: 114)	0.500

Table VII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 – A2 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	323	YLLEIFFCA (SEQ ID NO: 115)	3820.380
2	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 116)	560.763
3	204	SLVFLTHWV (SEQ ID NO: 117)	382.536

Cont  
D2

4	126	FILGQIVLV (SEQ ID NO: 118)	374.369
5	277	YLHTWAAAV (SEQ ID NO: 119)	319.939
6	8	ILLESLLGC (SEQ ID NO: 120)	294.675
7	13	LLGCVSWSL (SEQ ID NO: 121)	272.371
8	92	RLMVLALGV (SEQ ID NO: 122)	257.342
9	211	WVFGEVSLV (SEQ ID NO: 123)	238.235
10	275	LLYLHTWAA (SEQ ID NO: 124)	202.694
11	615	IMYRGLIRL (SEQ ID NO: 125)	193.040
12	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 126)	177.308
13	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 127)	162.824
14	351	VLLGTMMLI (SEQ ID NO: 128)	150.931
15	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 129)	134.369
16	241	VLLCLASGL (SEQ ID NO: 130)	134.369
17	127	ILGQIVLVV (SEQ ID NO: 131)	111.499
18	398	WLLVGVGLL (SEQ ID NO: 132)	108.713
19	133	LVVLRIWYT (SEQ ID NO: 133)	105.168
20	274	GLLYLHTWA (SEQ ID NO: 134)	101.099
21	49	FLSPIFLTI (SEQ ID NO: 135)	91.183
22	188	GMASRPNWL (SEQ ID NO: 136)	84.856
23	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 137)	83.527
24	56	TITPFWKLV (SEQ ID NO: 138)	61.780
25	258	RGTGLIWVW (SEQ ID NO: 139)	43.075
26	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 140)	37.007
27	68	WMLTLLRII (SEQ ID NO: 141)	24.186
28	356	MMLIIGLNM (SEQ ID NO: 142)	22.569
29	216	VSLVSRWAV (SEQ ID NO: 143)	21.418
30	28	MIYYFPLQT (SEQ ID NO: 144)	21.182
31	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 145)	17.760
32	319	AMIFYLLEI (SEQ ID NO: 146)	17.330
33	261	GLIWWVTGT (SEQ ID NO: 147)	17.140
34	352	LLGTMMLII (SEQ ID NO: 148)	16.725
35	473	YMGNNDLTM (SEQ ID NO: 149)	16.505
36	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 150)	15.114
37	200	AAFGSLVFL (SEQ ID NO: 151)	13.887
38	90	KLRIMVLAL (SEQ ID NO: 152)	13.070
39	504	IMALSRYPI (SEQ ID NO: 153)	12.809
40	156	ILTLIAIAT (SEQ ID NO: 154)	12.668
41	150	QMSNKVILT (SEQ ID NO: 155)	12.379
42	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 156)	12.178
43	376	LQTKNSSKV (SEQ ID NO: 157)	11.988
44	97	ALGVSSSLI (SEQ ID NO: 158)	10.433
45	47	IAFLSPIFL (SEQ ID NO: 159)	10.264
46	540	KLVDFVVTTH (SEQ ID NO: 160)	9.346

Cont  
A2

47	42	LEGFSIAFL (SEQ ID NO: 161)	8.933
48	560	LQAIAVSKL (SEQ ID NO: 162)	8.469
49	34	LQTLELTGL (SEQ ID NO: 163)	8.469
50	154	KVILTLSAI (SEQ ID NO: 164)	7.349

Table VIII: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A2 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	482	WLGEKLGfYT (SEQ ID NO: 165)	4483.377
2	394	KLFLWLLVGv (SEQ ID NO: 166)	2071.606
3	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 167)	1400.305
4	132	VLVVLRIWYT (SEQ ID NO: 168)	1201.914
5	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 169)	1131.982
6	567	KLLKSSSNQV (SEQ ID NO: 170)	900.698
7	396	FLWLLVGvGL (SEQ ID NO: 171)	815.616
8	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 172)	592.807
9	8	ILLESLLGCV (SEQ ID NO: 173)	536.309
10	356	MMLIIGLNML (SEQ ID NO: 174)	223.203
11	453	LLNETGADFI (SEQ ID NO: 175)	195.971
12	559	KLQAIAVSKL (SEQ ID NO: 176)	171.967
13	384	VLFRKSEKYM (SEQ ID NO: 177)	171.868
14	126	FILGQIVLVV (SEQ ID NO: 178)	153.491
15	274	GLLYLHTWAA (SEQ ID NO: 179)	137.862
16	49	FLSPIFLTIT (SEQ ID NO: 180)	122.836
17	375	LLQTKNSSKV (SEQ ID NO: 181)	118.238
18	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 182)	115.713
19	614	YIMYRGLIRL (SEQ ID NO: 183)	114.985
20	330	CAWCTAFKFV (SEQ ID NO: 184)	83.786
21	399	LLVGvGLLGL (SEQ ID NO: 185)	83.527
22	156	ILTLSAIATL (SEQ ID NO: 186)	83.527
23	207	FLTHWVFGEV (SEQ ID NO: 187)	79.025
24	351	VLLGTMMMLI (SEQ ID NO: 188)	61.882
25	536	NISGKLVDfV (SEQ ID NO: 189)	59.279
26	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 190)	57.085
27	504	IMALSRYPfV (SEQ ID NO: 191)	52.518
28	275	LLYLHTWAAA (SEQ ID NO: 192)	45.944
29	62	KLVNKKWMLT (SEQ ID NO: 193)	44.339
30	591	YLQLTEHGNV (SEQ ID NO: 194)	41.592
31	69	MLTLLRIITI (SEQ ID NO: 195)	40.792
32	296	SMWPQTLGHL (SEQ ID NO: 196)	38.289
33	68	WMLTLLRIIT (SEQ ID NO: 197)	37.557
34	323	YLLEIFFCAW (SEQ ID NO: 198)	37.545
35	28	MIYYFPLQTL (SEQ ID NO: 199)	36.752

Cont  
A2

36	242	LLCLASGLML (SEQ ID NO: 200)	36.316
37	95	VLALGVSSSL (SEQ ID NO: 201)	36.316
38	150	QMSNKVILT (SEQ ID NO: 202)	35.485
39	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 203)	34.246
40	20	SLYHDLGPMI (SEQ ID NO: 204)	33.385
41	149	YQMSNKVILT (SEQ ID NO: 205)	29.577
42	97	ALGVSSSLIV (SEQ ID NO: 206)	28.516
43	137	RIWYTSLNPI (SEQ ID NO: 207)	27.385
44	342	GVYARERSDV (SEQ ID NO: 208)	19.475
45	134	VVLRIWYTSL (SEQ ID NO: 209)	17.636
46	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 210)	17.295
47	46	SIAFLSPIFL (SEQ ID NO: 211)	16.155
48	619	GLIRLGYARI (SEQ ID NO: 212)	15.649
49	392	YMKLFLWLLV (SEQ ID NO: 213)	13.748
50	355	TMMLIIGLNM (SEQ ID NO: 214)	13.276

Table IX: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A3 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	506	ALSRYPIVK (SEQ ID NO: 215)	120.000
2	418	KLGVVAPTK (SEQ ID NO: 216)	90.000
3	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 217)	90.000
4	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 218)	60.000
5	619	GLIRLGYAR (SEQ ID NO: 219)	54.000
6	361	GLNMLFGPK (SEQ ID NO: 220)	54.000
7	41	GLEGFSIAF (SEQ ID NO: 221)	54.000
8	409	GLRHKAYER (SEQ ID NO: 222)	36.000
9	371	NLDLLQTK (SEQ ID NO: 223)	30.000
10	532	TLTVNISGK (SEQ ID NO: 224)	30.000
11	593	QLTEHGNVK (SEQ ID NO: 225)	30.000
12	431	AIWPFREFGY (SEQ ID NO: 226)	27.000
13	384	VLFRKSEKY (SEQ ID NO: 227)	20.000
14	375	LLQTKNSSK (SEQ ID NO: 228)	20.000
15	250	MLPSCLWFR (SEQ ID NO: 229)	18.000
16	315	TMTIAMIFY (SEQ ID NO: 230)	12.000
17	132	VLVVLRIWY (SEQ ID NO: 231)	12.000
18	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 232)	10.800
19	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 233)	9.000
20	615	IMYRGLIRL (SEQ ID NO: 234)	9.000
21	249	LMLPSCLWF (SEQ ID NO: 235)	9.000
22	383	KVLFRKSEK (SEQ ID NO: 236)	9.000
23	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 237)	8.100
24	319	AMIFYLLEI (SEQ ID NO: 238)	8.100

Cont  
A2

25	540	KLVDFFVTH (SEQ ID NO: 239)	8.100
26	478	DLTMWLGEK (SEQ ID NO: 240)	8.100
27	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 241)	8.100
28	49	FLSPIFLT (SEQ ID NO: 242)	8.100
29	323	YLLEIFFCA (SEQ ID NO: 243)	6.075
30	407	GLGLRHKAY (SEQ ID NO: 244)	6.000
31	338	FVPGGVYAR (SEQ ID NO: 245)	5.400
32	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 246)	5.400
33	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 247)	4.500
34	24	DLGPMIYYF (SEQ ID NO: 248)	4.050
35	351	VLLGTMMML (SEQ ID NO: 249)	4.050
36	261	GLIWWVTGT (SEQ ID NO: 250)	4.050
37	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 251)	4.000
38	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 252)	3.375
39	275	LLYLHTWAA (SEQ ID NO: 253)	3.000
40	453	LLNETGADF (SEQ ID NO: 254)	3.000
41	205	LVFLTHWVF (SEQ ID NO: 255)	3.000
42	405	LLGLGLRHK (SEQ ID NO: 256)	3.000
43	296	SMWPQTLGH (SEQ ID NO: 257)	3.000
44	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 258)	3.000
45	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 259)	2.700
46	404	GLLGLGLRH (SEQ ID NO: 260)	2.700
47	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 261)	2.700
48	13	LLGCVSWSL (SEQ ID NO: 262)	2.700
49	394	KLFLWLLVG (SEQ ID NO: 263)	2.700
50	188	GMASRPNWL (SEQ ID NO: 264)	1.800

Table X: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A3 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	361	GLNMLFGPKK (SEQ ID NO: 265)	180.000
2	409	GLRHKAYERK (SEQ ID NO: 266)	60.000
3	540	KLVDFFVTHF (SEQ ID NO: 267)	40.500
4	249	LMLPSCLWFR (SEQ ID NO: 268)	40.500
5	374	LLLQTKNSSK (SEQ ID NO: 269)	30.000
6	404	GLLGLGLRHK (SEQ ID NO: 270)	20.250
7	480	TMWLGEKLG (SEQ ID NO: 271)	20.000
8	248	GLMLPSCLWF (SEQ ID NO: 272)	18.000
9	204	SLVFLTHWVF (SEQ ID NO: 273)	9.000
10	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 274)	8.100
11	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 275)	8.100
12	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 276)	8.000
13	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 277)	6.075

Cont  
A2

14	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 278)	6.000
15	357	MLIIGLNMLF (SEQ ID NO: 279)	6.000
16	559	KLQAI AVSKL (SEQ ID NO: 280)	5.400
17	394	KLFLWLLVGV (SEQ ID NO: 281)	4.500
18	396	FLWLLVGVGL (SEQ ID NO: 282)	4.500
19	319	AMIFYLLEIF (SEQ ID NO: 283)	4.500
20	351	VLLGTMMMLI (SEQ ID NO: 284)	4.050
21	323	YLLEIFFCAW (SEQ ID NO: 285)	4.050
22	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 286)	4.050
23	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 287)	4.050
24	13	LLGCVSWSLY (SEQ ID NO: 288)	4.000
25	20	SLYHDLGPMI (SEQ ID NO: 289)	3.000
26	452	HLLNETGADF (SEQ ID NO: 290)	3.000
27	500	HTWGIMALSR (SEQ ID NO: 291)	3.000
28	36	TLELTGLEGF (SEQ ID NO: 292)	3.000
29	58	TPFWKLVNKK (SEQ ID NO: 293)	3.000
30	150	QMSNKVILTL (SEQ ID NO: 294)	2.700
31	619	GLIRLG YARI (SEQ ID NO: 295)	2.700
32	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 296)	2.700
33	142	SLNPIWSYQM (SEQ ID NO: 297)	2.700
34	274	GLLYLHTWAA (SEQ ID NO: 298)	2.700
35	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 299)	2.700
36	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 300)	2.250
37	296	SMWPQTLGHL (SEQ ID NO: 301)	2.025
38	167	RIGTDGDCSK (SEQ ID NO: 302)	2.000
39	464	ILES DASKPY (SEQ ID NO: 303)	2.000
40	320	MIFYLLEIFF (SEQ ID NO: 304)	2.000
41	305	LINSGTNPGK (SEQ ID NO: 305)	2.000
42	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 306)	1.800
43	505	MALSRYPVK (SEQ ID NO: 307)	1.800
44	69	MLTLLRIITI (SEQ ID NO: 308)	1.800
45	145	PIWSYQMSNK (SEQ ID NO: 309)	1.500
46	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 310)	1.500
47	462	ITILES DASK (SEQ ID NO: 311)	1.500
48	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 312)	1.350
49	284	AVSGCVFAIF (SEQ ID NO: 313)	1.350
50	140	YTSLNPIWSY (SEQ ID NO: 314)	1.350

Table XI: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A11 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	383	KVLFRKSEK (SEQ ID NO: 315)	9.000
2	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 316)	2.400



Coil  
A2

3	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 317)	1.200
4	418	KLGVKAPTK (SEQ ID NO: 318)	1.200
5	361	GLNMLFGPK (SEQ ID NO: 319)	1.200
6	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 320)	1.200
7	506	ALSRYPVVK (SEQ ID NO: 321)	0.800
8	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 322)	0.800
9	338	FVPGGVYAR (SEQ ID NO: 323)	0.800
10	619	GLIRLGVAR (SEQ ID NO: 324)	0.720
11	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 325)	0.600
12	129	GQIVLVVLR (SEQ ID NO: 326)	0.540
13	409	GLRHKAYER (SEQ ID NO: 327)	0.480
14	371	NLDLLQTK (SEQ ID NO: 328)	0.400
15	532	TLTVNISGK (SEQ ID NO: 329)	0.400
16	375	LLQTKNSSK (SEQ ID NO: 330)	0.400
17	58	TPFWKLVNK (SEQ ID NO: 331)	0.400
18	593	QLTEHGNVK (SEQ ID NO: 332)	0.400
19	614	YIMYRGLIR (SEQ ID NO: 333)	0.320
20	329	FCAWCTAFK (SEQ ID NO: 334)	0.200
21	490	YTDFGPSTR (SEQ ID NO: 335)	0.200
22	250	MLPSCLWFR (SEQ ID NO: 336)	0.160
23	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 337)	0.120
24	402	GVGLLGLGL (SEQ ID NO: 338)	0.120
25	655	NQKVVIDHR (SEQ ID NO: 339)	0.120
26	478	DLTMWLGEK (SEQ ID NO: 340)	0.120
27	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 341)	0.120
28	184	EVATGMASR (SEQ ID NO: 342)	0.120
29	649	PTNYRDNQK (SEQ ID NO: 343)	0.100
30	154	KVILTLSAI (SEQ ID NO: 344)	0.090
31	581	YITSAPGSR (SEQ ID NO: 345)	0.080
32	362	LNMLFGPKK (SEQ ID NO: 346)	0.080
33	205	LVFLTHWVF (SEQ ID NO: 347)	0.080
34	380	NSSKVLFRK (SEQ ID NO: 348)	0.060
35	172	GDCSKPEEK (SEQ ID NO: 349)	0.060
36	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 350)	0.060
37	84	FQAPNAKLR (SEQ ID NO: 351)	0.060
38	173	DCSKPEEKK (SEQ ID NO: 352)	0.060
39	550	GNHEDDLDR (SEQ ID NO: 353)	0.048
40	66	KKWMLTLR (SEQ ID NO: 354)	0.048
41	379	KNSSKVLFR (SEQ ID NO: 355)	0.048
42	92	RLMVLAALGV (SEQ ID NO: 356)	0.048
43	391	KYMKLFLWL (SEQ ID NO: 357)	0.048
44	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 358)	0.045
45	688	HHFHMNTPK (SEQ ID NO: 359)	0.040

601  
A2

46	386	FRKSEKYMK (SEQ ID NO: 360)	0.040
47	671	FNPRFGSYK (SEQ ID NO: 361)	0.040
48	405	LLGLGLRHK (SEQ ID NO: 362)	0.040
49	400	LVGVLLGL (SEQ ID NO: 363)	0.040
50	306	INSGTNPGK (SEQ ID NO: 364)	0.040

Table XII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A11 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	462	ITILES DASK (SEQ ID NO: 365)	1.500
2	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 366)	1.500
3	409	GLRHKAYERK (SEQ ID NO: 367)	1.200
4	361	GLNMLFGPKK (SEQ ID NO: 368)	1.200
5	402	GVGLLGLGLR (SEQ ID NO: 369)	1.200
6	167	RIGTDGDCSK (SEQ ID NO: 370)	1.200
7	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 371)	1.000
8	53	IFLTITPFWK (SEQ ID NO: 372)	0.900
9	592	LQLTEHGNVK (SEQ ID NO: 373)	0.900
10	500	HTWGIMALSR (SEQ ID NO: 374)	0.800
11	374	LLLQTKNSSK (SEQ ID NO: 375)	0.600
12	561	QAI AVSKLLK (SEQ ID NO: 376)	0.600
13	505	MALSRYPVK (SEQ ID NO: 377)	0.600
14	305	LINSGTNPGK (SEQ ID NO: 378)	0.400
15	58	TPFWKLVNKK (SEQ ID NO: 379)	0.400
16	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 380)	0.400
17	385	LFRKSEKYMK (SEQ ID NO: 381)	0.400
18	379	KNSSKVLFRK (SEQ ID NO: 382)	0.360
19	337	KFVPGGVYAR (SEQ ID NO: 383)	0.360
20	580	GYITSAPGSR (SEQ ID NO: 384)	0.360
21	249	LMLPSCWFR (SEQ ID NO: 385)	0.240
22	644	RIPDDPTNYR (SEQ ID NO: 386)	0.240
23	670	HFNPRFGSYK (SEQ ID NO: 387)	0.200
24	328	FFCAWCTAFK (SEQ ID NO: 388)	0.200
25	81	IASFQAPNAK (SEQ ID NO: 389)	0.200
26	370	KNLDLLLQTK (SEQ ID NO: 390)	0.180
27	404	GLLGLGLRHK (SEQ ID NO: 391)	0.180
28	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 392)	0.160
29	550	GNHEDDLDRK (SEQ ID NO: 393)	0.120
30	342	GVYARERSDV (SEQ ID NO: 394)	0.120
31	427	EVSAAIWPFR (SEQ ID NO: 395)	0.120
32	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 396)	0.120
33	558	RKLQAI AVSK (SEQ ID NO: 397)	0.090
34	417	RKL GK VAPTK (SEQ ID NO: 398)	0.090

*Bank Ad*

35	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 399)	0.090
36	154	KVILTLAIA (SEQ ID NO: 400)	0.090
37	145	PIWSYQMSNK (SEQ ID NO: 401)	0.080
38	489	FYTDFGPSTR (SEQ ID NO: 402)	0.080
39	613	EYIMYRGLIR (SEQ ID NO: 403)	0.072
40	172	GDCSKPEEKK (SEQ ID NO: 404)	0.060
41	268	GTASAAGLLY (SEQ ID NO: 405)	0.060
42	421	KVAPTKEVSA (SEQ ID NO: 406)	0.060
43	131	IVLVVLRIWY (SEQ ID NO: 407)	0.060
44	648	DPTNYRDNQK (SEQ ID NO: 408)	0.060
45	99	GVSSSLIVQA (SEQ ID NO: 409)	0.060
46	309	GTNPGKMTI (SEQ ID NO: 410)	0.060
47	129	GQIVLVVLR (SEQ ID NO: 411)	0.054
48	119	RYLRIWGFIL (SEQ ID NO: 412)	0.054
49	183	GEVATGMASR (SEQ ID NO: 413)	0.054
50	248	GLMLPSCLWF (SEQ ID NO: 414)	0.048

Table XIII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A24 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	391	KYMKLFLWL (SEQ ID NO: 415)	864.000
2	29	IYYFPLQTL (SEQ ID NO: 416)	240.000
3	119	RYLRIWGFI (SEQ ID NO: 417)	210.000
4	148	SYQMSNKVI (SEQ ID NO: 418)	75.000
5	613	EYIMYRGLI (SEQ ID NO: 419)	75.000
6	21	LYHDLGPMI (SEQ ID NO: 420)	72.000
7	31	YFPLQTLEL (SEQ ID NO: 421)	33.000
8	83	SFQAPNAKL (SEQ ID NO: 422)	33.000
9	125	GFILGQIVL (SEQ ID NO: 423)	30.000
10	548	HFGNHEDDL (SEQ ID NO: 424)	20.000
11	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 425)	12.000
12	321	IFYLLEIFF (SEQ ID NO: 426)	12.000
13	328	FFCAWCTAF (SEQ ID NO: 427)	10.000
14	498	RYHTWGIMA (SEQ ID NO: 428)	10.000
15	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 429)	9.600
16	533	LTVNISGKL (SEQ ID NO: 430)	9.240
17	475	GNNDLTMWL (SEQ ID NO: 431)	8.640
18	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 432)	8.400
19	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 433)	8.400
20	151	MSNKVILTL (SEQ ID NO: 434)	8.400
21	397	LWLLVGIVL (SEQ ID NO: 435)	8.400
22	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 436)	8.400
23	128	LGQIVLVVL (SEQ ID NO: 437)	8.400

Cont  
A2

24	414	AYERKLGKV (SEQ ID NO: 438)	8.250
25	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 439)	8.000
26	55	LTITPFWKL (SEQ ID NO: 440)	7.920
27	479	LTMWLGEKL (SEQ ID NO: 441)	7.920
28	276	LYLHTWAAA (SEQ ID NO: 442)	7.500
29	580	GYITSAPGS (SEQ ID NO: 443)	7.500
30	322	FYLLEIFFC (SEQ ID NO: 444)	7.500
31	247	SGLMLPSCL (SEQ ID NO: 445)	7.200
32	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 446)	7.200
33	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 447)	7.200
34	241	VLLCLASGL (SEQ ID NO: 448)	7.200
35	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 449)	7.200
36	317	TIAMIFYLL (SEQ ID NO: 450)	6.720
37	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 451)	6.000
38	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 452)	6.000
39	584	SAPGSRDYL (SEQ ID NO: 453)	6.000
40	243	LCLASGLML (SEQ ID NO: 454)	6.000
41	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 455)	6.000
42	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 456)	6.000
43	297	MWPQTLGHL (SEQ ID NO: 457)	6.000
44	366	FGPKKNLDL (SEQ ID NO: 458)	6.000
45	157	LTLSAIATL (SEQ ID NO: 459)	6.000
46	350	DVLLGTMMML (SEQ ID NO: 460)	6.000
47	489	FYTDFGPST (SEQ ID NO: 461)	6.000
48	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 462)	6.000
49	210	HWVFGEVSL (SEQ ID NO: 463)	6.000
50	139	WYTSLNPIW (SEQ ID NO: 464)	6.000

Table XIV: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A24 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	391	KYMKLFLWLL (SEQ ID NO: 465)	600.000
2	119	RYLRIWGFIL (SEQ ID NO: 466)	600.000
3	498	RYHTWGIMAL (SEQ ID NO: 467)	400.000
4	148	SYQMSNKVIL (SEQ ID NO: 468)	300.000
5	30	YYFPLQTLLEL (SEQ ID NO: 469)	264.000
6	624	GYARISHAEL (SEQ ID NO: 470)	220.000
7	343	VYARERSDVL (SEQ ID NO: 471)	200.000
8	438	GYDNEGWSSL (SEQ ID NO: 472)	200.000
9	651	NYRDNQKVVI (SEQ ID NO: 473)	60.000
10	683	NYENNHHFHM (SEQ ID NO: 474)	37.500
11	365	LFGPKKNLDL (SEQ ID NO: 475)	24.000
12	559	KLQAIAVSKL (SEQ ID NO: 476)	13.200

Cont  
A<sup>2</sup>

13	322	FYLLEIFFCA (SEQ ID NO: 477)	12.600
14	48	AFLSPIFLTI (SEQ ID NO: 478)	12.600
15	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 479)	12.000
16	316	MTIAMIFYLL (SEQ ID NO: 480)	10.080
17	540	KLVDVVFVTHF (SEQ ID NO: 481)	10.080
18	689	HFHMNTPKYF (SEQ ID NO: 482)	10.000
19	327	IFFCAWCTAF (SEQ ID NO: 483)	10.000
20	414	AYERKLGKVA (SEQ ID NO: 484)	9.000
21	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 485)	8.400
22	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 486)	8.000
23	590	DYLQLTEHGN (SEQ ID NO: 487)	7.500
24	276	LYLHTWAAAV (SEQ ID NO: 488)	7.500
25	401	VGVGLLGLGL (SEQ ID NO: 489)	7.200
26	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 490)	7.200
27	474	MGNNDLTMWL (SEQ ID NO: 491)	7.200
28	187	TGMASRPNWL (SEQ ID NO: 492)	7.200
29	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 493)	7.200
30	240	AVLLCLASGL (SEQ ID NO: 494)	7.200
31	356	MMLIIGLNML (SEQ ID NO: 495)	7.200
32	616	MYRGLIRLGY (SEQ ID NO: 496)	7.000
33	677	SYKEGHNYEN (SEQ ID NO: 497)	6.600
34	532	TLTVNISGKL (SEQ ID NO: 498)	6.160
35	614	YIMYRGLIRL (SEQ ID NO: 499)	6.000
36	611	WCEYIMYRGL (SEQ ID NO: 500)	6.000
37	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 501)	6.000
38	510	YPIVKSEHHL (SEQ ID NO: 502)	6.000
39	63	LVNKKWMLTL (SEQ ID NO: 503)	6.000
40	21	LYHDLGPMIY (SEQ ID NO: 504)	6.000
41	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 505)	6.000
42	397	LWLLVGVGLL (SEQ ID NO: 506)	6.000
43	134	VVLRIWYTSL (SEQ ID NO: 507)	6.000
44	366	FGPKKNLDLL (SEQ ID NO: 508)	6.000
45	524	EGEIPAITL (SEQ ID NO: 509)	6.000
46	25	LGPMIYYFPL (SEQ ID NO: 510)	6.000
47	253	SCLWFRGTGL (SEQ ID NO: 511)	6.000
48	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 512)	6.000
49	4	LWREILLES (SEQ ID NO: 513)	5.760
50	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 514)	5.600

Table XV: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B7 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 515)	240.000

*Cont  
A2*

2	344	YARERSDVL (SEQ ID NO: 516)	120.000
3	625	YARISHAEL (SEQ ID NO: 517)	120.000
4	367	GPKKNLDLL (SEQ ID NO: 518)	80.000
5	235	NPFGGAVLL (SEQ ID NO: 519)	80.000
6	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 520)	80.000
7	86	APNAKLRLM (SEQ ID NO: 521)	60.000
8	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 522)	40.000
9	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 523)	40.000
10	135	VLRIWYTSL (SEQ ID NO: 524)	40.000
11	200	AAFGSLVFL (SEQ ID NO: 525)	36.000
12	402	GVGLLGLGL (SEQ ID NO: 526)	20.000
13	350	DVLLGTMMML (SEQ ID NO: 527)	20.000
14	400	LVGVGLLGL (SEQ ID NO: 528)	20.000
15	512	IVKSEHLL (SEQ ID NO: 529)	20.000
16	189	MASRPNWLL (SEQ ID NO: 530)	18.000
17	584	SAPGSRDYL (SEQ ID NO: 531)	18.000
18	270	ASAAGLLYL (SEQ ID NO: 532)	12.000
19	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 533)	12.000
20	197	LAGAAFGSL (SEQ ID NO: 534)	12.000
21	47	IAFLSPIFL (SEQ ID NO: 535)	12.000
22	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 536)	12.000
23	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 537)	12.000
24	294	TASMWPQTL (SEQ ID NO: 538)	12.000
25	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 539)	12.000
26	479	LTMWLGEKL (SEQ ID NO: 540)	12.000
27	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 541)	12.000
28	88	NAKLRLMVL (SEQ ID NO: 542)	12.000
29	298	WPQTLGHLI (SEQ ID NO: 543)	8.000
30	55	LTITPFWKL (SEQ ID NO: 544)	6.000
31	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 545)	6.000
32	1	MTSLWREIL (SEQ ID NO: 546)	6.000
33	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 547)	6.000
34	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 548)	6.000
35	423	APTKEVSAA (SEQ ID NO: 549)	6.000
36	64	VNKKWMLTL (SEQ ID NO: 550)	4.000
37	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 551)	4.000
38	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 552)	4.000
39	2	TSLWREILL (SEQ ID NO: 553)	4.000
40	366	FGPKKNLDL (SEQ ID NO: 554)	4.000
41	571	SSSNQVIFL (SEQ ID NO: 555)	4.000
42	151	MSNKVILTL (SEQ ID NO: 556)	4.000
43	109	VTWWSGSHL (SEQ ID NO: 557)	4.000
44	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 558)	4.000

Cont  
A2

45	620	LIRLG YARI (SEQ ID NO: 559)	4.000
46	237	FGGAVLLCL (SEQ ID NO: 560)	4.000
47	34	LQTLELTGL (SEQ ID NO: 561)	4.000
48	128	LGQIVLVVL (SEQ ID NO: 562)	4.000
49	268	GTASAAGLL (SEQ ID NO: 563)	4.000
50	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 564)	4.000

Table XVI: HLA Peptide Scoring Results 125P5C8 B7 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	585	APGSRDYLQL (SEQ ID NO: 565)	240.000
2	344	YARERSDVLL (SEQ ID NO: 566)	120.000
3	510	YPIVKSEHHL (SEQ ID NO: 567)	80.000
4	367	GPKKNLDLLL (SEQ ID NO: 568)	80.000
5	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 569)	80.000
6	108	AVTWWSGSHL (SEQ ID NO: 570)	60.000
7	240	AVLLCLASGL (SEQ ID NO: 571)	60.000
8	528	APAITLTVNI (SEQ ID NO: 572)	24.000
9	423	APTKEVSAAI (SEQ ID NO: 573)	24.000
10	134	VVLRIWYTSL (SEQ ID NO: 574)	20.000
11	311	NPGKMTIAM (SEQ ID NO: 575)	20.000
12	16	CVSWSLYHDL (SEQ ID NO: 576)	20.000
13	63	LVNKKWMLTL (SEQ ID NO: 577)	20.000
14	86	APNAKLRLMV (SEQ ID NO: 578)	18.000
15	82	ASFQAPNAKL (SEQ ID NO: 579)	18.000
16	187	TGMASRPNWL (SEQ ID NO: 580)	12.000
17	246	ASGLMLPSCL (SEQ ID NO: 581)	12.000
18	269	TASAAGLLYL (SEQ ID NO: 582)	12.000
19	199	GAAFGSLVFL (SEQ ID NO: 583)	12.000
20	614	YIMYRGLIRL (SEQ ID NO: 584)	12.000
21	496	STRYHTWGIM (SEQ ID NO: 585)	10.000
22	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 586)	6.000
23	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 587)	6.000
24	28	MIYYFPLQTL (SEQ ID NO: 588)	6.000
25	583	TSAPGSRDYL (SEQ ID NO: 589)	6.000
26	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 590)	6.000
27	288	CVFAIFTASM (SEQ ID NO: 591)	5.000
28	560	LQAIAVSKLL (SEQ ID NO: 592)	4.000
29	353	LGTMMILIIGL (SEQ ID NO: 593)	4.000
30	4	LWREILLES L (SEQ ID NO: 594)	4.000
31	1	MTSLWREILL (SEQ ID NO: 595)	4.000
32	84	FQAPNAKLRL (SEQ ID NO: 596)	4.000
33	253	SCLWFRGTGL (SEQ ID NO: 597)	4.000

Cont  
A 2

34	242	LLCLASGLML (SEQ ID NO: 598)	4.000
35	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 599)	4.000
36	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 600)	4.000
37	293	FTASMWPQTL (SEQ ID NO: 601)	4.000
38	396	FLWLLVGVGL (SEQ ID NO: 602)	4.000
39	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 603)	4.000
40	266	VTGTASAAGL (SEQ ID NO: 604)	4.000
41	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 605)	4.000
42	532	TLTVNISGKL (SEQ ID NO: 606)	4.000
43	376	LQTKNSSKVL (SEQ ID NO: 607)	4.000
44	150	QMSNKVILTL (SEQ ID NO: 608)	4.000
45	124	WGFILGQIVL (SEQ ID NO: 609)	4.000
46	46	SIAFLSPIFL (SEQ ID NO: 610)	4.000
47	366	FGPKKNLDLL (SEQ ID NO: 611)	4.000
48	474	MGNNDLTMWL (SEQ ID NO: 612)	4.000
49	112	WSGSHLQRYL (SEQ ID NO: 613)	4.000
50	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 614)	4.000

Table XVII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B35 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	367	GPKKNLDLL (SEQ ID NO: 615)	60.000
2	86	APNAKLRLM (SEQ ID NO: 616)	40.000
3	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 617)	40.000
4	229	HPGDPNPF (SEQ ID NO: 618)	30.000
5	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 619)	20.000
6	235	NPFGGAVLL (SEQ ID NO: 620)	20.000
7	344	YARERSDVL (SEQ ID NO: 621)	18.000
8	676	GSYKEGHNY (SEQ ID NO: 622)	15.000
9	644	RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 623)	12.000
10	112	WSGSHLQRY (SEQ ID NO: 624)	10.000
11	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 625)	10.000
12	494	GPSTRYHTW (SEQ ID NO: 626)	10.000
13	583	TSAPGSRDY (SEQ ID NO: 627)	10.000
14	141	TSLNPIWSY (SEQ ID NO: 628)	10.000
15	570	KSSSNQVIF (SEQ ID NO: 629)	10.000
16	88	NAKLRLMVL (SEQ ID NO: 630)	9.000
17	625	YARISHAEL (SEQ ID NO: 631)	9.000
18	298	WPQTLGHLI (SEQ ID NO: 632)	8.000
19	181	KTGEVATGM (SEQ ID NO: 633)	8.000
20	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 634)	6.000
21	348	RSDVLLGTM (SEQ ID NO: 635)	6.000
22	269	TASAAGLLY (SEQ ID NO: 636)	6.000



Orl  
A2

23	17	VSWSLYHDL (SEQ ID NO: 637)	5.000
24	2	TSLWREILL (SEQ ID NO: 638)	5.000
25	270	ASAAGLLYL (SEQ ID NO: 639)	5.000
26	571	SSSNQVIFL (SEQ ID NO: 640)	5.000
27	285	VSGCVFAIF (SEQ ID NO: 641)	5.000
28	151	MSNKVILTL (SEQ ID NO: 642)	5.000
29	512	IVKSEHLL (SEQ ID NO: 643)	4.500
30	192	RPNWLLAGA (SEQ ID NO: 644)	4.000
31	632	ELSDSEIQM (SEQ ID NO: 645)	4.000
32	233	DPNPFGGAV (SEQ ID NO: 646)	4.000
33	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 647)	4.000
34	197	LAGAAGSL (SEQ ID NO: 648)	3.000
35	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 649)	3.000
36	330	CAWCTAFKF (SEQ ID NO: 650)	3.000
37	520	LPSPEGEIA (SEQ ID NO: 651)	3.000
38	423	APTKEVSAA (SEQ ID NO: 652)	3.000
39	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 653)	3.000
40	466	ESDASKPYM (SEQ ID NO: 654)	3.000
41	64	VNKKWMLTL (SEQ ID NO: 655)	3.000
42	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 656)	3.000
43	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 657)	3.000
44	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 658)	3.000
45	587	GSRDYLQLT (SEQ ID NO: 659)	3.000
46	377	QTKNSSKVL (SEQ ID NO: 660)	3.000
47	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 661)	3.000
48	294	TASMWPQTL (SEQ ID NO: 662)	3.000
49	135	VLRIWYTSL (SEQ ID NO: 663)	3.000
50	199	GAAFGSLVF (SEQ ID NO: 664)	3.000

Table XVIII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B35 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	367	GPKKNLDLLL (SEQ ID NO: 665)	60.000
2	311	NPGKMTIAM (SEQ ID NO: 666)	40.000
3	585	APGSRDYLQL (SEQ ID NO: 667)	30.000
4	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 668)	20.000
5	510	YPIVKSEHLL (SEQ ID NO: 669)	20.000
6	51	SPIFLTITPF (SEQ ID NO: 670)	20.000
7	344	YARERSDVLL (SEQ ID NO: 671)	18.000
8	19	WSLYHDLGPM (SEQ ID NO: 672)	15.000
9	307	NSGTNPGKTM (SEQ ID NO: 673)	10.000
10	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 674)	10.000
11	572	SSNQVIFLGY (SEQ ID NO: 675)	10.000

Cont  
A 2

12	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 676)	10.000
13	528	APAITLTVNI (SEQ ID NO: 677)	8.000
14	423	APTKEVSAAI (SEQ ID NO: 678)	8.000
15	430	AAIWPFRFGY (SEQ ID NO: 679)	6.000
16	496	STRYHTWGIM (SEQ ID NO: 680)	6.000
17	348	RSDVLLGTMM (SEQ ID NO: 681)	6.000
18	85	QAPNAKLRLM (SEQ ID NO: 682)	6.000
19	428	VSAAIWPFRF (SEQ ID NO: 683)	5.000
20	45	FSIAFLSPIF (SEQ ID NO: 684)	5.000
21	246	ASGLMLPSCS (SEQ ID NO: 685)	5.000
22	583	TSAPGSRDYL (SEQ ID NO: 686)	5.000
23	444	WSSLERSAHL (SEQ ID NO: 687)	5.000
24	112	WSGSHLQRYL (SEQ ID NO: 688)	5.000
25	82	ASFQAPNAKL (SEQ ID NO: 689)	5.000
26	176	KPEEKKTGEV (SEQ ID NO: 690)	4.800
27	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 691)	4.000
28	471	KPYMGNNDLT (SEQ ID NO: 692)	4.000
29	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 693)	4.000
30	540	KLVDVVTTHF (SEQ ID NO: 694)	4.000
31	86	APNAKLRLMV (SEQ ID NO: 695)	4.000
32	192	RPNWLLAGAA (SEQ ID NO: 696)	4.000
33	281	WAAAVSGCVF (SEQ ID NO: 697)	3.000
34	117	LQRYLRIWGF (SEQ ID NO: 698)	3.000
35	377	QTKNSSKVLF (SEQ ID NO: 699)	3.000
36	199	GAAFGSLVFL (SEQ ID NO: 700)	3.000
37	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 701)	3.000
38	64	VNKKWMLTLL (SEQ ID NO: 702)	3.000
39	269	TASAAGLLYL (SEQ ID NO: 703)	3.000
40	675	FGSYKEGHNY (SEQ ID NO: 704)	3.000
41	102	SSLIVQAVTW (SEQ ID NO: 705)	2.500
42	522	SPEGEIAPAI (SEQ ID NO: 706)	2.400
43	413	KAYERKLGKV (SEQ ID NO: 707)	2.400
44	131	IVLVVLRIWY (SEQ ID NO: 708)	2.000
45	235	NPFGGAVLLC (SEQ ID NO: 709)	2.000
46	355	TMMLIIGLNM (SEQ ID NO: 710)	2.000
47	114	GSHLQRYLRI (SEQ ID NO: 711)	2.000
48	298	WPQTLGHLIN (SEQ ID NO: 712)	2.000
49	406	LGLGLRHKAY (SEQ ID NO: 713)	2.000
50	582	ITSAPGSRDY (SEQ ID NO: 714)	2.000

**Table XIX: Motif-bearing Subsequences of the 125P5C8 Protein**

**Protein Motifs**

Membrane associated protein

Calculated MW 78.6 kDa, pI 8.75

**Multiple Transmembrane Domains**

125P5C8 is modeled to have 10 transmembrane domains listed below

(SEQ ID NOS: 715-724, respectively)

No.	N terminal	transmembrane region	C terminal
1	1	MTSLWREILLESLLGCVSWSLYH	23
2	42	LEGFSIAFLSPIFLTITPFWKLV	64
3	94	MVLALGVSSSLIVQAVTWWSGSH	116
4	120	YLRIWGFILGQIVLVVLRWYTS	142
5	189	MASRPNWLLAGAAFGSLVFLTHW	211
6	238	GGAVLLCLASGLMLPSCLWFRGT	260
7	269	TASAAGLLYLHTWAAVSGCVFA	291
8	318	IAMFYILLEIFFCAWCTAFKFVP	340
9	350	DVLLGTMMMLIIGLNMLFGP	368
10	390	EK YMKLFLWLLVGVGLLGLGLR	411

Protein Motifs present in 125P5C8:

319-373(1051) Sodium:solute symporter family

94-145(1009) Sodium:neurotransmitter symporter family

122-137(1005) Sodium:dicarboxylate symporter family

174-194(1009) Amiloride-sensitive sodium channel

118-160(1014) Speract receptor (Scavenger receptor)

242-284(1086) Endothelin

N-glycosylation sites

Number of matches: 3

1 380-383 NSSK (SEQ ID NO: 725)

2 455-458 NETG (SEQ ID NO: 726)

3 536-539 NISG (SEQ ID NO: 727)

*Art*  
*A2*  
Protein kinase C phosphorylation sites

Number of matches: 8

1 152-154 SNK

2 381-383 SSK

3 389-391 SEK

4 666-668 SEK

5 496-498 STR

6 538-540 SGK

7 389-391 SEK

8 666-668 SEK

Casein kinase II phosphorylation sites

Number of matches: 10

1 40-43 TGLE (SEQ ID NO: 728)

2 170-173 TDGD (SEQ ID NO: 729)

3 175-178 SKPE (SEQ ID NO: 730)

4 445-448 SSLE (SEQ ID NO: 731)

5 457-460 TGAD (SEQ ID NO: 732)

6 463-466 TILE (SEQ ID NO: 733)

7 606-609 TDHD (SEQ ID NO: 734)

8 629-632 SHAE (SEQ ID NO: 735)

9 634-637 SDSE (SEQ ID NO: 736)

10 677-680 SYKE (SEQ ID NO: 737)